

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
11. Januar 2001 (11.01.2001)

PCT

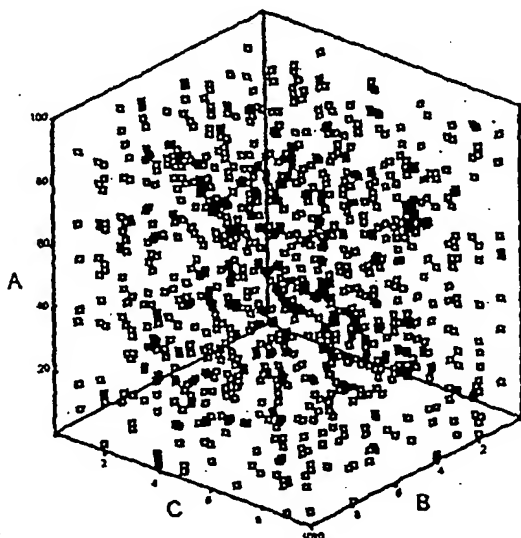
(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 01/02848 A1

- (51) Internationale Patentklassifikation: G01N 30/46 (72) Erfinder; und
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE00/02154 (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HORN, An-
(22) Internationales Anmeldedatum: 4. Juli 2000 (04.07.2000) ton [DE/DE]; Pennickental 4, D-07749 Jena (DE).
KREUSCH, Stefan [DE/DE]; Freiligrathstrasse 90,
D-07743 Jena (DE).
- (25) Einreichungssprache: Deutsch (74) Anwalt: JENOPTIK AG; Gewerbliche Schutzrechte,
D-07739 Jena (DE).
- (26) Veröffentlichungssprache: Deutsch (81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AL, AM, AT, AU,
AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE,
DK, DM, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID,
IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL,
PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ,
UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.
- (30) Angaben zur Priorität: 199 32 270.8 5. Juli 1999 (05.07.1999) DE
- (71) Anmelder und
(72) Erfinder: MOORE, Thomas [DE/DE]; Zur Lämmerlaide
15, D-07751 Drackendorf (DE).

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR THE MULTI-DIMENSIONAL ANALYSIS OF A PROTEOME

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR MEHRDIMENSIONALEN ANALYSE EINES PROTEOMS



(57) Abstract: The invention relates to a method for the multi-dimensional analysis of a proteome. The method is used in the biochemical, biotechnological and medical fields and in the pharmaceutical industry for diagnostic purposes and for developing biologically active substances. The aim of the invention is to improve, facilitate and for certain proteins first of all to enable the quantification and identification of the proteins of a proteome. According to the invention, the proteins of a proteome are subjected to a large number n of different separation processes under standardised conditions in such a way, that each respective liquid fraction m_1 , obtained in a separation stage, delivers m_2 liquid fractions in a separation stage which immediately follows. After n separation stages, $m_1 * m_2 * \dots * m_n = M$ liquid fractions have been produced which are identified qualitatively or quantitatively by known identification methods using o different analysis methods and which are quantitatively determined also by known quantification methods in such a way, that once the analysis data has been unified in a database, an n -dimensional image of the proteome is obtained which is characterised by identifiers and quantifiers and by the position in the n -dimensional network.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur mehrdimensionalen Analyse eines Proteoms. Das Verfahren findet in der Biochemie, in der Biotechnologie, in der Medizin sowie in der Pharmazeutischen Industrie Verwendung und dient u.a. zu diagnostischen Zwecken und zur Entwicklung biologisch wirksamer Substanzen. Der Erfindung liegt die Aufgabe zu Grunde, die Quantifikation und Identifikation der Proteine eines Proteoms zu verbessern, zu erleichtern und für bestimmte Proteine überhaupt erst zu ermöglichen. Erfindungsgemäß werden die Proteine des Proteoms unter standardisierten Bedingungen einer Vielzahl n verschiedener Trennverfahren derart unterworfen, daß jeweils jede der in einem Trennschritt erhaltenen flüssigen Fraktionen m_1 in einem darauf folgenden Trennschritt m_2 flüssige Fraktionen liefert, wobei nach n Trennschritten $m_1 * m_2 * \dots * m_n = M$ flüssige Fraktionen vorliegen, die mit o verschiedenen Analyseverfahren qualitativ und oder quantitativ durch an sich bekannte Identifikationsverfahren identifiziert und durch ebenfalls an sich bekannte Quantifikationsverfahren quantitativ bestimmt werden, so daß nach Zusammenfügen der Analysedaten in einer Datenbank ein n -dimensionales Abbild des Proteoms, charakterisiert durch Identifikatoren und Quantifikatoren sowie durch die Lage im n -dimensionalen Netz, gewonnen wird.

WO 01/02848 A1

BEST AVAILABLE COPY

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

— Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen eintreffen.

Veröffentlicht:

— Mit internationalem Recherchenbericht.

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

Beschreibung der Erfindung

Verfahren zur mehrdimensionalen Analyse eines Proteoms

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur mehrdimensionalen Analyse eines Proteoms, bei dem das biologische Gewebe mit dem zu analysierenden Proteom aufgeschlossen und die zu dem Proteom gehörenden Proteine getrennt sowie quantitativ bestimmt und identifiziert werden. Das Verfahren findet in der Biochemie, in der Biotechnologie, in der Medizin sowie in der Pharmazeutischen Industrie Verwendung und dient u. a. zu diagnostischen Zwecken und zur Entwicklung biologisch wirksamer Substanzen. Spezielle Einsatzgebiete eröffnen sich in der Grundlagenforschung, beispielsweise für die Klärung entwicklungsbiologischer oder zelldifferenzierender Fragestellungen, sowie in der angewandten Forschung für das Screening von Wirkstoffbanken, für die Entwicklung und Optimierung biologisch aktiver Substanzen oder für die Differenzierung zwischen normalen und pathogenen Zuständen in Organismen.

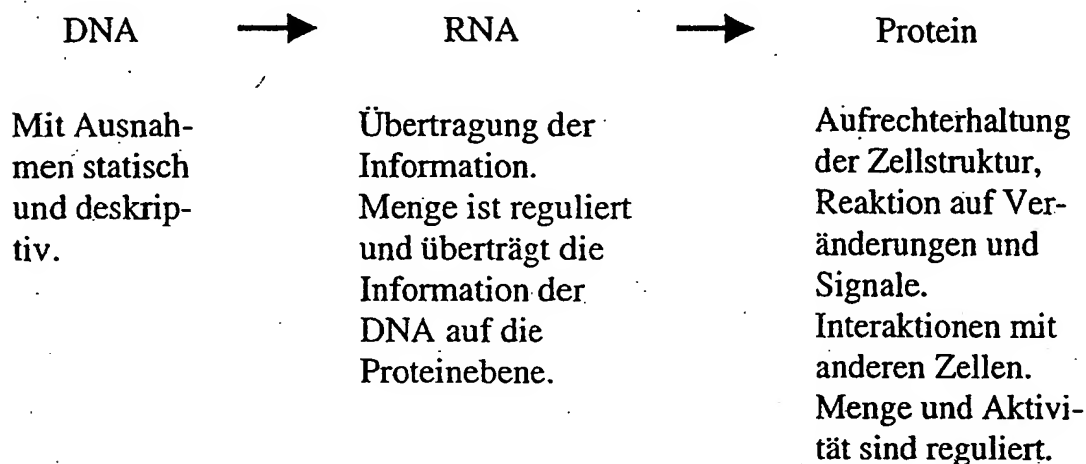
In der jüngeren Vergangenheit wurden Genome von Organismen ganz oder zu großen Teilen sequenziert [Fraser CM et al.: The minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*, Science, 1995, Oct 20, 270 (5235), 397-403; Fleischmann RD et al.: Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. Science, 1995, Jul 28, 269 (5223), 496-512; Blattner FR et al.: The complete genome sequence of *Escherichia coli* K-12, Science, 1997, Sep 5, 277 (5331), 1453-74; Goffeau A et al.: Life with 6000 genes, Science, 1996, Oct 25, 274 (5287), 546, 563-7]. Noch intensiver wurden cDNA-Abschnitte sequenziert [Clark MS: Comparative genomics: the key to understanding the Human Genome Project, Bioessays, 1999, Feb,

21 (2), 121-30; Evans MJ et al.: Gene trapping and functional genomics, Trends Genet, 1997 Sep, 13 (9), 370-4]. Die Sequenzdaten sind in Datenbanken gespeichert. Die Aufklärung des Genoms eines Organismus führt letztlich "nur" zur Kenntnis des relativ statischen Informationsgehaltes des genetischen Materials für diesen Organismus. Mit den Sequenzen der cDNA- ist es prinzipiell möglich, Expressionslevel der mRNA auch zellspezifisch und umweltspezifisch zu ermitteln und damit ein Gen-expressionsmuster der RNA zu erhalten.

Aus einem Gen des Genoms können

- a) durch verschiedene Prozesse, unterschiedliche mRNA-Sorten entstehen, die für divergente Proteine kodieren, und
- b) die aus ihnen entstehenden Proteine können durch posttranslationale Modifikation eine Vielzahl außerordentlich unterschiedlich funktionierender Proteine bilden. Zu den bisher bekannten Modifikationen gehören Phosphorylierung und Dephosphorylierung, limitierte Proteolyse, Acetylierung, Methylierung, Adenylierung, Sulfatierung, Glykosylierung [McDonald LJ et al.: Enzymatic and nonenzymatic ADP-ribosylation of cysteine, Mol Cell Biochem, 1994 Sep, 138 (1-2), 221-6; Baenziger JU: Protein-specific glycosyltransferases: how and why they do it!, FASEB J, 1994 Oct, 8 (13), 1019-25; Mimnaugh EG et al.: The measurement of ubiquitin and ubiquitinated proteins, Electrophoresis, 1999 Feb, 20 (2), 418-28; Davis PJ et al.: Protein modification by thermal processing, Allergy, 1998, 53 (46 Suppl), 102-5]. Die exprimierten und modifizierten Proteine ergeben aber letztendlich das Muster, welches die Zelldifferenzierung und die Reaktion auf innere und äußere Einflüsse von Zellen beschreibt. Am augenfälligsten ist die eingeschränkte Bedeutung der Kenntnis des Genoms für die Realisierung eines definierten biologischen Zustandes, wenn man die unterschiedlichen Zellen in verschiedenen Organen und innerhalb eines

Organs vergleicht. Beispielsweise haben eine Leberparanchymzelle, eine Nervenzelle des Gehirns und eine Mukosazelle des Darmes den selben Satz genetischer Information, aber völlig unterschiedliche Funktion, die durch die Regulation der Expression des Genoms in diesen Zellen und die Regulation des Enzym- und Proteinmusters innerhalb der Zellen sowie der verschiedenen Gewebe hervorgerufen wird.



Die Begriffsbestimmung des "Proteoms", erfolgte erst 1996 [Friedrich GA: Moving beyond the genome projects, Nat Biotechnol, 1996 Oct, 14 (10), 1234-7].

Das Proteom, das heißt die Gesamtheit aller Proteine in einer Zelle mit einem bestimmten Entwicklungsstand und unter definierten Umweltbedingungen, stellt eine sehr viel dynamischere Repräsentation des physiologischen Zustandes von Zellen, Organen und Organismen dar. Die Proteomanalytik untersucht, welche Teile des Genoms unter definierten, zellspezifischen Bedingungen exprimiert und modifiziert werden. Dies führte zu schnell anwachsendem Interesse an diesem Gebiet, mit der Folge von ansteigenden Publikationszahlen (PubMed query Suchbegriff: Proteome; Suche 1 Jahr zurück: 64 Einträge, 2 Jahre zurück: 99 Einträge, 5 Jahre zurück: 122 Einträge), Kongressen und Veranstaltungen zu dieser Thematik.

Um ein quantifizierbares "Bild" eines Proteoms zu erhalten, wird gegenwärtig folgendermaßen verfahren: In einem ersten Schritt müssen die biologischen Materialien aufgeschlossen und homogenisiert werden (mit Ausnahmen: z. B. beim Serum liegen sie in einer homogenen Lösung vor). Im zweiten Schritt erfolgt die Trennung der Proteine, im dritten die Identifizierung und im vierten die Auswertung der erhaltenen Daten [Ben RH et al.: Two dimensional electrophoresis, The state of the art and future directions, Proteome Research, New frontiers in functionel genomics, Springer 1997 Chap, 2, 13-33].

1. Aufschluß

Hierfür werden bekannte Verfahren und Anordnungen aus der Biochemie eingesetzt, wie beispielsweise Scherkrafthomogenisatoren, Ultraschallbehandlung, Hochdruckpressen. Die Schwierigkeit besteht in einem quantitativen und möglichst die Funktion der Proteine nicht zerstörenden Aufschluß, denn nur quantitativ aufgeschlossene Proteine liefern in dem nachfolgenden zweiten Schritt (Trennung und Detektion der Proteine) ein reales Bild des Probenmaterials [Rabilloud T: Solubilization of proteins in 2-D electrophoresis, An outline, Methods Mol Biol, 1999, 112, 9-19; Rabilloud T et al.: Improvement of the solubilization of proteins in two-dimensional electrophoresis with immobilized pH gradients, Electrophoresis, 1997 Mar-Apr, 18 (3-4), 307-16; Staudenmann W et al.: Sample handling for proteome analysis, Electrophoresis, 1998 May, 19 (6), 901-8].

2. Trennung und Detektion

Für die Trennung der Proteine des Proteoms wird gegenwärtig essentiell die zweidimensionale Gelelektrophorese verwendet. Es sind erste Versuche mit einer zweidimensionalen HPLC unternommen worden. Diese haben jedoch bisher nicht die Trennschärfe der zweidimensionalen Elektrophorese erreicht

[Opiteck GJ, et al. Comprehensive two-dimensional high-performance liquid chromatography for the isolation of overexpressed proteins and proteome mapping. Anal Biochem. 1998 May 1;258(2):349-61.]. Die erste Dimension der zweidimensionalen Elektrophorese ist eine Trennung nach dem isoelektrischen Punkt, also letztendlich nach den Ladungseigenschaften eines Proteins. In der zweiten Dimension wird nach der Größe der Proteine in einem denaturierenden Natriumdodecylsulfat-Gel getrennt. Diese Trenntechnik ist seit etwa seit 20 Jahren bekannt. Ein Vorteil der 2-D-Elektrophorese liegt in der Möglichkeit, eine relativ große Zahl von Proteinen auf einer Fläche mit hoher Auflösung zu trennen. Man geht gegenwärtig davon aus, daß ca. 10.000 Proteine in einem solchen zweidimensionalen Gel nachgewiesen werden können [Klose J et al.: Two-dimensional electrophoresis of proteins: an updated protocol and implications for a functional analysis of the genome, Electrophoresis, 1995, Jun 16 (6), 1034-59]. Ein weiterer Vorteil liegt darin, daß man durch radioaktive Markierung oder nach der Anfärbung mit ebenfalls bekannten Techniken in der Lage ist, die getrennten Proteine zu quantifizieren. Diese Quantifizierungsmethoden sind proteinspezifisch, haben einen eingeschränkten dynamischen Nachweisbereich, sind in der Regel schwer automatisierbar und sind abhängig von den jeweiligen (oft nicht vollständig zu reproduzierenden) Einsatzbedingungen [James P: Of genomes and proteomes, Biochem Biophys Res Commun, 1997, Feb 3, 231 (1), 1-6]. Sie sind nur für relative Bestimmungen geeignet. Die Quantifizierung über immunologische Eigenschaften ist problematisch, weil dafür Blottechniken mit eingeschränkter quantitativer Aussagekraft eingesetzt werden müssen.

Das Ergebnis ist ein fingerabdruckähnliches Bild, welches das Proteom charakterisiert.

Die Nachteile dieser Trenntechnik sind:

- eingeschränkter dynamischer Bereich, der durch die Belastbarkeit der Trenngele hervorgerufen wird
- die maximal einsetzbare Proteinmenge ist auf einen Bereich von μg bis mg Protein begrenzt [James P: Of genomes and proteomes, Biochem Biophys Res Commun, 1997, Feb 3, 231 (1), 1-6]
- Einschränkung des verwendeten Probenvolumens
- die Trennung ist auf zwei Dimensionen beschränkt
- die für die Trennung benötigten Ampholyte und das Gelmaterial Acryllamid können zu Artefakten führen und dadurch zu schwer erkennbaren Fehlinterpretationen beitragen
- Proteine, die in sehr hohen Konzentrationen vorhanden sind, ergeben relativ starke Signale und überdecken solche in niedrigen Konzentrationen vorhandene, so daß eine direkte Identifikation und Quantifizierung in diesem Falle nicht möglich ist
- der Verlust der nativen Konformation im denaturierenden Trenngel bedingt den Verlust der biologisch funktionellen Eigenschaften und erschwert die Identifikation der Proteine über die Bestimmung ihrer biologischen Eigenschaften, wie beispielsweise ihrer katalytischen Aktivität oder ihrer spezifischen Bindungseigenschaften
- die Sekundäranalyse, wie die häufig eingesetzte, spezifische Proteolyse einzelner Proteine, gefolgt von Massebestimmungen, macht einen schwer automatisierbaren Extraktionschritt aus dem Gel oder von der Blotmembran notwendig.

3. Identifikation der Proteine

Hierfür werden üblicherweise die Sequenzierung, die Massenanalyse und Schätzung des isoelektrischen Punkts aus der Laufstrecke im Gel sowie die Peptidfragmentmassenanalyse nach Isolierung aus dem Gel und tryptischem Verdau in der Massenspektrometrie eingesetzt [Shevchenko A et al.: Linking

genome and proteome by mass spectrometry: large-scale identification of yeast proteins from two dimensional gels, Proc Natl Acad Sci USA, 1996, Dec 10, 93 (25), 14440-5; Traini M et al.: Towards an automated approach for protein identification in proteome projects, Electrophoresis, 1998, Aug 19 (11), 1941-9]. Durch die verwendete Trenntechnik werden Merkmale, wie beispielsweise die katalytische Aktivität der Proteine und die native Konformation, nahezu vollständig ausgeschaltet und stehen nicht für die Identifikation zur Verfügung.

Die Vor- und Nachteile der bekannten Identifikationsverfahren sind insbesondere:

- Die Sequenzierung erfolgt durch Edman Abbau an automatisierten Einrichtungen und ist relativ kosten- und zeitaufwendig. Sie erfordert größere Mengen des Proteins. Deshalb ist sie trotz gegenwärtiger Weiterentwicklung für ein Massenscreening weniger geeignet [Gooley AA et al.: A role for Edman degradation in proteome studies, Electrophoresis, 1997, Jun 18(7), 1068-72]. Für die Identifizierung von primär unbekannten Proteinen ist dieser Analyseschritt allerdings in den meisten Fällen notwendig.
- Die Spezifität der Aussage der Massenbestimmung eines Proteins, die letztlich zu seiner Identifizierung führen soll, wird dadurch erhöht, daß man die Proteine nach der Trennung einem Proteaseverdau unterwirft, und die mittels Masseanalytik erhaltenen Informationen mit den aus der Primärstruktur vorhergesagten Massen der Peptidsequenzen nach dem tryptischen Verdau vergleicht. Im wesentlichen werden zwei Arten der Massenspektrometrie eingesetzt. Das sind erstens die Matrix assistierte Laserdesorption/ionisierung - Massenspektrometrie (MALDI-MS) und zweitens die Electrospray Ionisierung - Massenspektrometrie (ESI-MS) [Ducret A et al.: High throughput protein characterization by automated

reverse-phase chromatography/electrospray tandem mass spectrometry, Protein Sci, 1998, Mar 7 (3), 706-19; Parker KC et al.: Identification of yeast proteins from two-dimensional gels: working out spot cross-contamination, Electrophoresis, 1998, Aug 19 (11), 1920-32]. Die erste Methode hat den Vorteil, daß sie einen sehr großen Massebereich bis zu 1 Mio Dalton zu analysieren erlaubt und relativ robust durchführbar ist. Allerdings kann sie nur diskontinuierlich durchgeführt werden. Die ESI-Technik hingegen kann quasi kontinuierlich an Trenntechniken angeschlossen werden und zeigt gegenwärtig einen starken Zuwachs sowohl in der Entwicklung der Applikationsbreite als auch hinsichtlich der technologischen Möglichkeiten. Die enormen Fortschritte, die in den letzten Jahren mit beiden Techniken erreicht wurden, erlauben Massenaufösungen bis zur Isotopenverteilung, also Auflösungen kleiner 1 Dalton. Damit wird ein Massenspektrum von Peptidfragmenten nach sequenzspezifischen, definiertem Proteaseverdau oder einer anderen definierten Spaltung der Proteine erhalten. Dieses Spektrum ist typisch für jedes Protein und wird zur Proteinidentifizierung in Sequenzdatenbanken von Proteinen und Expressed Sequence Tag Banken eingesetzt. Da die Identifikation des Proteins durch die präzise Identifikation der vorhergesagten Peptide nach Proteaseverdau zustande kommt, stört jede posttranslationale Modifikation der Proteine, beispielsweise durch Glykosylierung, die Erkennung. Darüber hinaus können Fragmentierungsspektren der einzelnen Peptide im Massenspektrometer Informationen über die Aminosäuresequenz der Peptide liefern. Diese Sequenzinformation kann allein oder zusammen mit den anderen bekannten Daten des Proteins zu dessen Identifizierung in einer Sequenzdatenbank genutzt werden. Dieses Verfahren zur Sequenzanalyse ist gegenwärtig auf Grund der Schwierigkeiten einer korrekten Dateninterpretation noch nicht im

Routineeinsatz. Die Grenzen der Proteinidentifizierung durch massenspektrometrische Methoden bestehen in der nicht vollständigen Erfassung aller Proteinsequenzen in den vorhandenen Datenbanken.

4. Datenanalyse

Die erhaltenen Charakteristika der einzelnen detektierten Proteine aus der Trennung in der 2-D- Elektrophorese, wie die Quantität, isoelektrischer Punkt und Größe, die Daten zur Proteinidentifizierung aus weiteren Schritten, beispielsweise der Sequenzierung oder Massenspektrometrie, werden zusammengeführt. Hieraus ergibt sich das Bild der Gesamtheit der Proteine mit ihrer Identität und Quantität in dem jeweiligen Proteom.

Der Erfindung liegt die Aufgabe zu Grunde, die Quantifikation und Identifikation der Proteine eines Proteoms zu verbessern, zu erleichtern und für bestimmte Proteine überhaupt erst zu ermöglichen.

Erfindungsgemäß werden die Proteine des Proteoms unter standardisierten Bedingungen einer Vielzahl n verschiedener Trennverfahren derart unterworfen, daß jeweils jede der in einem Trennschritt erhaltenen m_1 flüssigen Fraktionen in einem darauf folgenden Trennschritt m_2 flüssige Fraktionen liefert, wobei nach n Trennschritten $m_1 * m_2 * \dots * m_n = M$ flüssige Fraktionen vorliegen, die mit r verschiedenen Analyseverfahren qualitativ und oder quantitativ durch an sich bekannte Identifikationsverfahren identifiziert und durch ebenfalls an sich bekannte Quantifikationsverfahren quantitativ bestimmt werden, so daß nach Zusammenfügen der Analysedaten ein n -dimensionales Abbild des Proteoms, charakterisiert durch Identifikatoren und Quantifikatoren sowie durch die Lage im n -dimensionalen Datenraum, gewonnen wird.

In den Unteransprüchen 2-12 sind vorteilhafte Ausführungsformen des Verfahrens aufgeführt.

Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren ist die enge Mengenlimitation durch die Belastbarkeit der bisher verwendeten 2-D-Elektrophorese nicht mehr gegeben. Es sind Proteinmengen im Bereich einiger Gramm einsetzbar. Die Trennmatrices sind mehrfach nutzbar. Hierdurch ist eine höhere Reproduzierbarkeit der Ergebnisse erzielbar. Das eingesetzte Probenmaterial liegt in der flüssigen Phase vor und ist somit anschließenden Analyseschritten unmittelbar zugänglich. Durch den besseren Erhalt der nativen Eigenschaften während der Trennung sind analytische Verfahren, wie die Aktivitätsbestimmung, und immunologische Verfahren, die auf der nativen Konformation des Analyten beruhen, möglich. Die Trennung von Analyten mit gleichen Ladungs- und Größeneigenschaften ist in der meist verwendeten 2-D-Elektrophorese nicht möglich. Durch den Einsatz von mindestens einem weiteren Charakteristikum, wie beispielsweise der Hydrophobizität des Analyten, zur Trennung entfällt allerdings diese Einschränkung.

Die Proben stehen in den Fraktionen nach der Trennung auch weiteren präparativen Arbeiten zur Verfügung.

Die Erfindung soll nachstehend anhand eines in der Zeichnung dargestellten Ausführungsbeispiels näher erläutert werden.

Es zeigen:

Fig. 1: Trennung von 1000 Proteinen in drei Dimensionen

Fig. 1a: Fraktionen 1 bis 33

Fig. 2a: Fraktionen 33/34 bis 67

Fig. 3a: Fraktionen 68 bis 100

Fig. 2: Graphische dreidimensionale Darstellung der Fraktionen gemäß Fig. 1

Als Ausführungsbeispiel sollen 1000 Proteine durch drei Eigenschaften A, B, C beschrieben werden. Diese Eigenschaften können zum Beispiel Größe, Ladung und Hydrophobizität sein. Die Eigenschaften sind in den Proteinen zufällig verteilt. Alle Proteine sind fortlaufend numeriert. Hierauf erfolgt eine Trennung nach der Eigenschaft A (beispielsweise der Größe), bei der 100 Fraktionen a mit den entsprechenden Proteinen erhalten werden. Diese Fraktionen a werden nach der Eigenschaft B (beispielsweise der Ladung) in jeweils 10 Fraktionen b getrennt.

Jede dieser Fraktionen b wird einer Trennung nach der Eigenschaft C (beispielsweise der Hydrophobizität) unterworfen und liefert die Fraktionen c. Insgesamt werden $100 \times 10 \times 10 = 10.000$ einzelne Fraktionen erhalten. Jedes durch die Trennung erhaltene Protein wird nach seinen Eigenschaften eindeutig einer der Fraktionen a, b, c zugeordnet. In der Aufstellung gemäß Fig. 1 sind die jeweiligen Fraktionen durch Zahlen bezeichnet. Hierbei sind die Fraktionen a der Eigenschaft A zugehörig. Sie teilen den möglichen Wertebereich der Eigenschaft A in jeweils einhundert gleiche Teile, d. h. für die Voraussetzung eines Wertebereichs von 0 bis 100 entspricht beispielsweise der Wert 1 dem Bereich 0 bis 1, der Wert 2 dem Bereich 1 bis 2, ..., der Wert 100 dem Bereich 99-100. Analog sind die möglichen Wertebereiche der Eigenschaften B und C in jeweils zehn gleiche Teile eingeteilt, d. h. beispielsweise der Wert 1 entspricht dem Bereich 1-10. Durchschnittlich jede zehnte Fraktion enthält ein Protein.

Aus der Zufallsbetrachtung ergibt sich die Möglichkeit von Mehrfachbesetzungen. In dem in der Aufstellung nach Fig. 1a-c aufgeführten Beispiel sind 39 Doppelbelegungen und eine Dreifachbelegung von Fraktionen enthalten.

Aus Platzgründen und der Übersicht halber sind die leeren 9.000 Fraktionen nicht dargestellt.

Fig. 1 enthält folgende tabellarische Auflistung:

Protein Nr.	Fraktionen a	Fraktionen b	Fraktionen c
----------------	-----------------	-----------------	-----------------

wobei in Fig. 1a die Fraktionen a = 1 bis 33, in Fig. 2a die Fraktionen a = 33/34 bis 67 und in Fig. 1c die Fraktionen a = 68 bis 100 aufgeführt sind.

Fig. 2 zeigt ein dreidimensionales Diagramm mit den Positionen der durch Proteine besetzten Fraktionen nach Fig. 1.

Aufstellung der verwendeten Bezugszeichen

A, B, C - Eigenschaft von Proteinen

a, b, c - Fraktion

Patentansprüche

1. Verfahren zur mehrdimensionalen Analyse eines Proteoms, bei dem das biologische Material mit dem zu analysierenden Proteom aufgeschlossen und die zu dem Proteom gehörenden Proteine getrennt sowie quantitativ bestimmt und identifiziert werden, dadurch gekennzeichnet, daß die Proteine des Proteoms unter standardisierten Bedingungen einer Vielzahl n verschiedener Trennverfahren für $n > 2$ derart unterworfen werden, daß jeweils jede der in einem Trennschritt erhaltenen flüssigen Fraktionen m_1 in einem darauf folgenden Trennschritt m_2 flüssige Fraktionen liefert, wobei nach n Trennschritten $m_1 * m_2 * \dots * m_n = M$ flüssige Fraktionen vorliegen, die mit r verschiedenen Analyseverfahren qualitativ und oder quantitativ durch an sich bekannte Identifikationsverfahren identifiziert und durch ebenfalls an sich bekannte Quantifikationsverfahren quantitativ bestimmt werden, so daß nach Zusammenfügen der Analysedaten ein n -dimensionales Abbild des Proteoms, charakterisiert durch Identifikatoren und Quantifikatoren sowie durch die Lage im n -dimensionalen Datenraum, gewonnen wird.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß als Trennverfahren Methoden, die nach der Größe der Proteine trennen, und/oder Methoden, die nach der Masse der Proteine trennen, und/oder Methoden, die nach der Ladung der Proteine trennen, und/oder Methoden, die nach der Hydrophobizität der Proteine trennen, und/oder Methoden, die nach der Form der Proteine trennen und/oder Methoden, die nach der Affinität der Proteine hinsichtlich spezifischer Liganden auch zu Antikörpern trennen, ausgewählt werden.

3. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß als Identifikationsverfahren Methoden zur Bestimmung spezifischer immunologischer Eigenschaften und/oder Bestimmungsmethoden spezifischer katalytischer Aktivität und/oder Bestimmungsmethoden zur chemischen Modifikation der Proteine des Proteoms eingesetzt werden.

4. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß als Quantifikationsverfahren Methoden der unspezifischen Bestimmung der Proteinkonzentration mit unterschiedlichen Empfindlichkeiten und/oder quantitative Bestimmungsmethoden zur Bestimmung spezifischer katalytischer Aktivitäten und/oder quantitative immunologische Methoden und/oder quantitative Bindungsassays ausgewählt werden.

5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Identifikation einzelner Proteine des Proteoms direkt über die Massebestimmung der Proteine erfolgt.

6. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Identifikation einzelner Proteine des Proteoms nach Protease Verdau und Masseidentifikation der Fragmente erfolgt.

7. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß beim ersten Trennschritt die Fraktionen in einem zweidimensionalen Mehrfachgefäßsystem, vorzugsweise in der Art und mit der Grundfläche von Mikrotitrationsplatten gesammelt werden.

8. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß beim ersten Trennschritt die Fraktionen in einem definierten Raster, vorzugsweise im $n \times 96$ - fach Raster der Mikrotiterplattentechnologie gesammelt werden.

9. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß alle Identifikations- und Quantifikationsschritte in einem definiertem Raster, vorzugsweise dem $n * 96$ - fach Raster, mit paßfähiger Liquidhandlingstechnik erfolgen.
10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß alle Identifikations- und Quantifikationsschritte mit wenigstens vier zweidimensional angeordneten und simultan arbeitenden Pipettorkanälen erfolgt.
11. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die erste Dimension zur Trennung ein an sich bekannte hochauflösende Größenausschluß-, eine Ionenaustausch oder eine Hydrophobizitätschromatographie ist, daß die zweite Dimension durch parallele Trennung und Fraktionierung der Fraktionen der ersten Dimension nach einem anderen als dem für die erste Dimension verwendeten Trennprinzip erfolgt und daß jede weitere Trennung und Fraktionierung durch parallele Trenn- und Fraktionierungsmethoden mit den aus den jeweils vorhergehenden Trenn- und Fraktionierungsschritten erhaltenen Fraktionen erfolgt.
12. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Analysedaten für das n-dimensionale Abbild des Proteoms in einer Datenbank zusammengefaßt werden.

Fig. 1a

2/4

869	33	10	3
526	34	3	3
332	34	3	4
636	34	4	6
121	34	4	8
998	34	5	1
355	34	5	8
346	34	5	10
270	34	6	1
810	34	6	2
34	34	6	9
734	34	7	1
862	34	7	6
164	34	9	4
157	34	10	8
796	35	1	6
962	35	1	8
736	35	3	4
85	35	3	8
47	35	4	2
793	35	4	6
819	35	6	6
671	35	6	8
432	35	6	10
195	35	9	1
324	35	9	4
658	35	10	3
468	36	2	1
643	36	4	2
926	36	5	8
693	36	8	7
767	36	9	3
354	36	10	7
955	37	1	1
314	37	4	4
548	37	5	8
313	37	6	10
219	37	7	4
959	37	8	5
46	37	9	2
497	38	1	2
678	38	3	5
260	38	3	8
754	38	3	9
648	38	4	7
340	38	5	4
209	38	6	4
990	38	6	7
11	38	8	10
941	38	9	5
184	38	9	8
637	39	1	8
545	39	2	7
163	39	7	9
267	39	8	8
1	39	9	6
229	39	10	1
53	39	10	4
822	40	1	3
891	40	1	7
335	40	3	6
623	40	4	2
901	40	5	8
828	40	6	6
666	40	7	10
474	40	10	2
704	40	10	3

979	41	3	5
556	41	4	9
44	41	5	3
812	41	7	8
37	41	9	6
343	41	10	8
911	42	1	6
522	42	1	10
505	42	3	1
417	42	3	2
782	42	4	3
807	42	5	7
765	42	6	3
168	42	8	1
857	42	8	9
657	42	9	1
252	42	10	1
475	42	10	3
173	42	10	4
302	43	2	3
809	43	2	10
431	43	4	3
906	43	5	10
602	43	7	6
283	43	7	6
492	43	9	4
349	43	9	7
364	43	10	7
197	43	10	9
465	44	2	1
549	44	2	4
635	44	3	9
538	44	5	6
801	44	6	6
993	44	6	7
965	44	7	6
780	44	8	2
830	44	9	2
277	44	9	5
269	44	9	7
113	45	1	1
265	45	1	3
710	45	1	6
477	45	2	1
922	45	2	6
668	45	4	2
271	45	4	7
863	45	6	2
39	45	7	5
948	45	7	9
376	46	1	5
428	46	5	5
317	46	8	1
117	46	9	6
689	47	1	5
992	47	2	4
559	47	2	6
375	47	3	10
554	47	5	4
624	47	6	6
565	47	6	6
457	47	9	3
17	47	10	4
864	48	1	1
372	48	2	4
759	48	2	7
129	48	3	4

938	48	5	10
512	48	6	2
485	48	6	4
915	48	7	5
458	48	7	8
386	48	7	8
120	48	7	10
868	48	8	3
486	48	10	10
30	49	1	6
571	49	2	1
936	49	3	10
520	49	6	10
775	49	8	4
421	49	8	6
287	50	1	1
89	50	3	3
847	50	3	7
49	50	5	8
577	50	6	7
2	50	7	5
374	50	7	7
711	50	8	9
722	50	9	1
958	50	10	4
645	51	1	6
720	51	2	1
300	51	2	3
973	51	6	4
282	51	6	10
674	51	7	7
213	51	9	4
833	51	9	10
216	51	10	4
986	52	1	3
253	52	2	8
625	52	2	9
768	52	3	6
818	52	3	7
804	52	6	1
824	52	6	5
705	52	6	7
512	52	6	7
337	52	8	3
639	52	9	7
204	52	9	10
284	52	10	7
615	53	1	3
261	53	1	8
612	53	6	6
604	53	10	3
15	53	10	7
441	53	10	8
843	54	1	3
97	54	1	6
235	54	4	1
742	54	6	10
583	54	6	10
91	54	7	3
249	54	7	4
24	54	8	2
576	54	8	10
160	55	1	10
410	55	2	1
929	55	2	4
387	55	2	5
74	55	2	9

743	55	5	7
305	55	6	8
473	55	8	1
266	55	8	4
393	55	8	10
320	55	9	1
276	55	9	6
7	55	9	10
799	55	10	9
518	56	1	10
245	56	2	6
870	56	4	5
940	56	5	3
673	56	5	6
182	56	5	10
157	56	5	10
679	56	8	1
78	56	8	4
437	56	8	8
873	56	9	6
888	56	10	5
201	57	1	7
412	57	5	7
133	57	5	9
908	57	6	2
967	57	6	3
12	57	7	7
672	58	7	5
139	58	7	5
352	58	1	9
293	58	2	10
543	58	9	3
954	58	10	2
681	59	2	1
844	59	2	9
753	59	3	2
881	59	5	2
52	59	5	3
501	59	5	8
516	59	6	3
196	59	6	7
860	59	7	7
628	59	8	10
162	59	10	1
54	59	10	8
291	60	2	5
553	60	2	7
655	60	2	9
227	60	5	4
601	60	5	4
165	60	8	1
199	60	8	2
210	60	10	2
442	60	10	6
728	60	10	9
633	61	1	1
570	61	1	4
220	61	1	6
179	61	5	5
808	61	7	8
223	61	9	2
336	62	1	10
232	62	2	6
77	62	2	8
399	62	2	10
55	62	3	8
675	62	3	10

834	62	4	2
471	62	4	3
919	62	4	10
342	62	7	3
460	62	7	8
378	62	7	10
94	62	10	7
935	63	1	7
395	63	2	4
464	63	2	8
949	63	3	2
394	63	4	1
14	63	4	6
683	63	6	4
298	63	6	10
698	63	7	5
920	63	7	10
481	63	7	10
817	63	8	8
76	63	8	9
416	63	8	10
371	63	9	3
739	63	9	5
646	63	9	6
135	63	9	7
233	63	9	10
237	64	1	4
764	64	4	3
974	64	5	10
621	64	5	10
745	64	6	5
248	64	6	6
585	64	6	9
466	64	9	2
217	64	9	5
730	64	9	8
761	64	10	6
569	64	10	8
750	65	1	3
38	65	2	4
102	65	3	8
880	65	4	8
528	65	5	1
725	65	7	10
787	65	8	1
533	65	9	1
408	65	9	8
882	66	1	2
264	66	1	5
87	66	1	6
429	66	2	5
867	66	3	5
539	66	3	5
789	66	3	8
328	66	4	9
960	66	6	3
640	66	8	8
794	66	9	1
452	67	1	5
500	67	1	8
510	67	3	6
10	67	5	2
650	67	6	3
490	67	6	9
586	67	7	9
344	67	8	4
482	67	8	7

Fig. 1b

3/4

651	68	1	4
368	68	3	8
203	68	4	5
226	68	4	5
33	68	4	5
706	68	7	5
158	68	7	8
178	68	9	3
788	68	9	10
145	69	1	4
250	69	3	10
131	69	5	6
425	69	6	8
854	69	8	3
303	69	8	5
899	69	9	9
186	69	10	1
721	69	10	4
455	70	1	2
125	70	1	7
122	70	2	6
256	70	4	1
928	70	4	2
842	70	4	4
484	70	4	5
308	70	4	8
222	70	5	8
641	70	6	3
740	70	6	4
56	70	7	3
620	70	7	9
303	70	8	2
86	70	8	2
848	70	8	8
595	70	9	2
898	70	9	9
716	70	9	10
329	70	10	9
885	71	2	8
18	71	2	9
676	71	3	3
702	71	3	8
128	71	7	4
140	71	7	6
13	71	8	2
621	71	8	3
642	71	8	5
334	71	9	4
489	71	10	2
742	72	3	1
632	72	3	4
247	72	3	8
506	72	4	3
732	72	4	9
853	72	8	3
392	72	9	3
92	72	9	5
552	73	2	3
723	73	4	3
994	73	4	4
945	73	6	8
665	73	6	8
414	73	7	8
879	73	10	2
661	74	2	2
984	74	3	2
905	74	5	1
887	74	5	8
461	74	6	7
546	74	6	8
575	74	7	9
45	74	7	10
290	75	1	4
846	75	2	1
440	75	6	7
155	75	7	10
31	75	8	5
9	75	9	8
127	75	10	4
748	76	1	8
405	76	2	9
555	76	3	6
180	76	5	8
630	76	10	3
312	76	10	7
718	77	1	9
889	77	2	8
712	77	3	6
444	77	3	6
380	77	4	9
64	77	5	10
982	77	8	5
825	77	10	3
840	78	2	1
306	78	2	5
865	78	6	4
170	78	7	3
839	78	8	7
59	79	1	3
644	79	4	4
307	79	4	9
327	79	5	5
251	79	5	6
544	79	6	2
230	79	6	4
341	79	7	7
763	79	8	2
132	79	9	1
629	79	9	6
406	80	1	2
850	80	3	1
35	80	3	3
279	80	5	5
884	80	5	8
572	80	5	10
947	80	6	3
427	80	10	9
446	81	1	3
616	81	1	7
175	81	2	2
654	81	2	4
205	81	4	8
206	81	4	10
872	81	7	2
93	81	7	6
791	81	8	4
469	81	8	5
262	82	2	7
514	82	3	1
776	82	3	8
377	82	3	10
203	82	4	7
148	82	5	10
1000	82	6	5
900	82	6	8
413	82	6	10
110	82	8	5
551	83	1	2
439	83	1	9
445	83	3	1
353	83	3	2
294	83	3	3
883	83	3	10
580	83	7	2
715	83	8	3
4	83	8	4
931	83	8	6
590	83	10	5
323	83	10	8
63	84	5	2
989	84	6	5
152	84	8	9
207	84	9	2
806	84	10	2
111	84	10	7
513	85	1	2
527	85	1	10
109	85	2	7
95	85	3	8
315	85	3	9
130	85	4	6
241	85	5	5
601	85	7	3
504	85	8	4
944	85	10	9
755	86	1	1
534	86	1	5
47	86	2	2
146	86	3	2
751	86	3	5
667	86	3	8
48	86	5	2
258	86	5	6
107	86	6	8
358	86	8	2
820	86	8	4
254	86	9	1
971	86	9	4
496	86	9	8
701	86	10	7
659	87	1	5
943	87	1	8
894	87	2	5
517	87	3	3
176	87	5	5
322	87	5	10
878	87	6	4
243	87	7	8
821	87	7	9
836	87	8	2
942	87	9	6
174	87	10	2
937	88	1	3
626	88	5	1
684	88	6	8
609	88	7	2
826	88	9	5
88	89	2	1
330	89	3	5
790	89	4	1
388	89	4	8
588	89	6	5
228	89	6	6
838	89	7	5
456	89	8	2
435	89	8	7
479	89	10	5
980	90	1	2
424	90	1	3
837	90	4	5
143	90	4	10
57	90	5	2
144	90	6	6
430	90	7	7
319	90	8	2
400	90	8	4
951	90	8	7
719	90	9	10
345	90	10	3
366	90	10	8
749	90	10	10
339	91	1	3
65	91	2	3
831	91	2	2
278	91	2	7
136	91	2	10
453	91	3	2
407	91	8	3
682	91	8	4
886	91	8	7
781	91	9	5
672	91	10	4
384	92	1	2
855	92	2	5
75	92	4	3
285	92	4	10
166	92	5	1
356	92	5	9
6	92	6	2
299	92	6	6
185	92	6	9
758	92	7	4
495	92	10	2
912	92	10	6
359	93	2	6
747	93	2	9
40	93	5	2
301	93	5	3
433	93	5	7
861	93	6	6
234	93	7	1
541	93	8	1
200	93	10	1
587	93	10	8
619	94	1	9
449	94	1	9
134	94	1	10
357	94	1	10
933	94	2	2
617	94	2	3
963	94	2	10
103	94	3	4
41	94	3	7
25	94	8	3
608	94	9	4
934	95	1	7
318	95	1	7
550	95	2	4
574	95	3	5
27	95	6	6
717	95	6	7
71	95	9	2
995	95	9	3
744	95	9	4
924	95	9	8
563	96	1	5
895	96	4	7
50	96	5	7
813	96	5	9
916	96	7	3
893	96	7	4
686	96	7	8
365	96	7	10
231	96	8	5
21	96	9	4
713	96	9	6
367	96	10	4
351	97	2	9
774	97	3	4
476	97	5	1
422	97	5	10
382	97	7	1
124	97	8	2
961	97	8	5
697	97	9	5
225	97	10	3
112	97	10	5
760	98	2	1
536	98	2	8
488	98	3	7
692	98	5	1
401	98	5	2
591	98	5	4
153	98	5	10
292	98	7	1
286	98	7	2
396	98	7	4
509	98	8	8
397	98	9	6
557	98	10	4
978	99	1	3
803	99	4	7
892	99	4	8
746	99	5	7
215	99	7	1
28	99	7	4
930	99	8	5
340	99	9	4
835	99	10	9
126	99	10	9
311	100	2	6
268	100	2	6
211	100	2	10
910	100	4	2
309	100	4	6
419	100	5	2
784	100	8	1
42	100	8	6
115	100	8	8
966	100	9	8
573	100	9	9
532	100	10	5

Fig. 1c

4/4

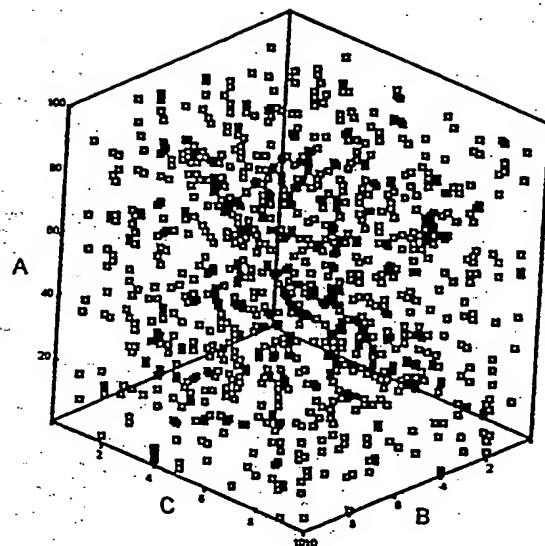


Fig. 2

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 00/02154

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 G01N30/46

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, PAJ, BIOSIS, SCISEARCH

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>MOORE A W ET AL: "COMPREHENSIVE THREE-DIMENSIONAL SEPARATION OF PEPTIDES USING SIZE EXCLUSION CHROMATOGRAPHY/REVERSED PHASE LIQUID CHROMATOGRAPHY/ OPTICALLY GATED CAPILLARY ZONE ELECTROPHORESIS" ANALYTICAL CHEMISTRY, US, AMERICAN CHEMICAL SOCIETY. COLUMBUS, vol. 67, no. 19, 1 October 1995 (1995-10-01), pages 3456-3463, XP000535656 ISSN: 0003-2700 abstract; figures 1,4</p> <p style="text-align: center;">-/--</p>	1, 2, 11, 12

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

Z document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

1 December 2000

Date of mailing of the international search report

08/12/2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.
Fax (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Zinngrebe, U

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No
PCT/DE 00/02154

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>OPITECK G J ET AL: "COMPREHENSIVE TWO-DIMENSIONAL HIGH-PERFORMANCE LIQUID CHROMATOGRAPHY FOR THE ISOLATION OF OVEREXPRESSED PROTEINS AND PROTEOME MAPPING" ANALYTICAL BIOCHEMISTRY, ACADEMIC PRESS, SAN DIEGO, CA, US, vol. 258, no. 2, 1 May 1998 (1998-05-01), pages 349-361, XP000960771 ISSN: 0003-2697 cited in the application abstract page 351 -page 352</p>	1
A	<p>DUCRET A ET AL: "HIGH THROUGHPUT PROTEIN CHARACTERIZATION BY AUTOMATED REVERSE-PHASE CHROMATOGRAPHY/ELECTROSPRAY TANDEM MASS SPECTROMETRY" PROTEIN SCIENCE, CAMBRIDGE UNIVERSITY PRESS, CAMBRIDGE, GB, vol. 7, no. 1, 7 March 1998 (1998-03-07), pages 706-719, XP000965234 ISSN: 0961-8368 cited in the application abstract; figure 1</p>	1
A	<p>BLACKSTOCK W P ET AL: "Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY, NL, ELSEVIER, AMSTERDAM, vol. 17, no. 3, March 1999 (1999-03), pages 121-127, XP004157732 ISSN: 0167-7799 page 122 -page 124</p>	1
A	<p>LOPEZ M F: "Proteome analysis -- I. Gene products are where the biological action is" JOURNAL OF CHROMATOGRAPHY B: BIOMEDICAL APPLICATIONS, NL, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS, vol. 722, no. 1-2, 5 February 1999 (1999-02-05), pages 191-202, XP004156213 ISSN: 0378-4347 page 198</p>	1

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 00/02154

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 7 601N30/46

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 7 601N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, PAJ, BIOSIS, SCISEARCH

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	MOORE A W ET AL: "COMPREHENSIVE THREE-DIMENSIONAL SEPARATION OF PEPTIDES USING SIZE EXCLUSION CHROMATOGRAPHY/REVERSED PHASE LIQUID CHROMATOGRAPHY/ OPTICALLY GATED CAPILLARY ZONE ELECTROPHORESIS" ANALYTICAL CHEMISTRY, US, AMERICAN CHEMICAL SOCIETY, COLUMBUS, Bd. 67, Nr. 19, 1. Oktober 1995 (1995-10-01), Seiten 3456-3463, XP000535656 ISSN: 0003-2700 Zusammenfassung; Abbildungen 1,4 --- -/-	1,2,11, 12

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

1. Dezember 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

08/12/2000

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Zinngrebe, U

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internales Aktenzeichen

PCT/DE 00/02154

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>OPITECK G J ET AL: "COMPREHENSIVE TWO-DIMENSIONAL HIGH-PERFORMANCE LIQUID CHROMATOGRAPHY FOR THE ISOLATION OF OVEREXPRESSED PROTEINS AND PROTEOME MAPPING"</p> <p>ANALYTICAL BIOCHEMISTRY, ACADEMIC PRESS, SAN DIEGO, CA, US,</p> <p>Bd. 258, Nr. 2, 1. Mai 1998 (1998-05-01), Seiten 349-361, XP000960771</p> <p>ISSN: 0003-2697</p> <p>in der Anmeldung erwähnt</p> <p>Zusammenfassung</p> <p>Seite 351 -Seite 352</p>	1
A	<p>DUCRET A ET AL: "HIGH THROUGHPUT PROTEIN CHARACTERIZATION BY AUTOMATED REVERSE-PHASE CHROMATOGRAPHY/ELECTROSPRAY TANDEM MASS SPECTROMETRY"</p> <p>PROTEIN SCIENCE, CAMBRIDGE UNIVERSITY PRESS, CAMBRIDGE, GB,</p> <p>Bd. 7, Nr. 1, 7. März 1998 (1998-03-07), Seiten 706-719, XP000965234</p> <p>ISSN: 0961-8368</p> <p>in der Anmeldung erwähnt</p> <p>Zusammenfassung; Abbildung 1</p>	1
A	<p>BLACKSTOCK W P ET AL: "Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins"</p> <p>TRENDS IN BIOTECHNOLOGY, NL, ELSEVIER, AMSTERDAM,</p> <p>Bd. 17, Nr. 3, März 1999 (1999-03), Seiten 121-127, XP004157732</p> <p>ISSN: 0167-7799</p> <p>Seite 122 -Seite 124</p>	1
A	<p>LOPEZ M F: "Proteome analysis - I. Gene products are where the biological action is"</p> <p>JOURNAL OF CHROMATOGRAPHY B: BIOMEDICAL APPLICATIONS, NL, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS,</p> <p>Bd. 722, Nr. 1-2,</p> <p>5. Februar 1999 (1999-02-05), Seiten 191-202, XP004156213</p> <p>ISSN: 0378-4347</p> <p>Seite 198</p>	1

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☐ FADED TEXT OR DRAWING
- ☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☒ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.

THIS PAGE BLANK (USPTO)